Genética da Ancestralidade: da Seleção Sexual à Imortalidade

ISBN: 978-65-01-48109-8
9 786501 481098
C3L

Fernando Henrique Pedroso

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(Câmara Brasileira do Livro, SP, Brasil)

Pedroso, Fernando Henrique
Genética da ancestralidade [livro eletrônico] : da seleção sexual à imortalidade / Fernando Henrique Pedroso. -- 1. ed. -- Itu, SP : Ed .do Autor, 2025.
PDF

ISBN 978-65-01-48109-8

1. Ancestralidade 2. Dados - Análise 3. Genética humana 4. Genética - Estudo e ensino 5. Evolução humana 6. Seleção natural 7. Sexualidade 8. Pesquisa científica I. Título.

25-273612 CDD-616.042

Índices para catálogo sistemático:

1. Genética : Medicina 616.042

Aline Graziele Benitez - Bibliotecária - CRB-1/3129

Genética da Ancestralidade: da Seleção Sexual à Imortalidade

Fernando Henrique Pedroso
Email: nando_hp@live.com

A análise de dados brutos de ancestralidade humana, como os fornecidos em testes genéticos comerciais, representa uma fronteira concreta da biologia molecular e da genética evolutiva, e é parte integrante de um novo paradigma científico centrado no autoconhecimento genômico. Tais dados, **anexado neste arquivo**, não constituem apenas um relatório genealógico; são, sobretudo, uma ferramenta com potencial para impulsionar investigações científicas nas áreas de biotecnologia, medicina preditiva e bioengenharia. A compreensão dos SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) e de seus padrões herdáveis é uma chave para desvendar traços físicos, predisposições intelectuais e perfis fenotípicos, todos moldados por milhares de anos de seleção natural e, mais recentemente, por processos de seleção sexual.

A presente publicação disponibiliza, como parte integrante e complementar ao estudo, um conjunto de anexos essenciais à compreensão e reprodutibilidade da pesquisa. O conteúdo está licenciado sob os termos da licença Creative Commons Attribution 4.0 International (Anexo A – *Licença CC BY 4.0.xmp*), garantindo livre uso, desde que atribuída a autoria original. Para fins de transparência e verificação científica, foram incluídos os **dados genéticos brutos** utilizados na análise (Anexo B – *Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv*), bem como sua **documentação visual**, representada por uma fotografia étnica referente aos dados brutos (Anexo C – *Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png*). O conteúdo textual também é acompanhado de versões em **formato de áudio**, a fim de ampliar a acessibilidade: a leitura integral do artigo encontra-se registrada em português (Anexo D – *Audiopaper_Português.mp3*) e em inglês (Appendix E – *Audiopaper_English.mp3*). Esses recursos não apenas reforçam o compromisso com a ciência aberta e acessível, como também ampliam o alcance pedagógico e multidisciplinar da obra, permitindo sua circulação em diferentes mídias e contextos educacionais.

Segundo Darwin, a seleção sexual é um dos principais mecanismos da evolução humana, diferenciando-se da seleção natural ao favorecer traços que aumentam o sucesso reprodutivo, mesmo que não sejam vantajosos para a sobrevivência. Características como simetria facial, estrutura corporal e até habilidades cognitivas podem ter sido moldadas por preferências reprodutivas ao longo das gerações, tornando-se elementos integrados à arquitetura genética das populações (DARWIN, 1871). Com os dados genéticos modernos, torna-se possível mensurar marcadores associados a tais traços com precisão crescente.

Na perspectiva contemporânea, o conceito de "gene egoísta" proposto por Dawkins reformula nossa visão sobre a função dos genes: eles são replicadores que utilizam os organismos como veículos de perpetuação (DAWKINS, 2007). Assim, o estudo da ancestralidade deixa de ser uma simples reconstrução de linhagem e passa a ser uma análise dos mecanismos pelos quais os genes moldam e são moldados pela seleção ao longo do tempo. Ao examinar dados genéticos brutos, podemos identificar não apenas

haplogrupos maternos e paternos, mas também alelos ligados a funções cognitivas, desempenho físico e respostas metabólicas — elementos que, segundo Griffiths et al. (2020), já são mapeados em estudos de associação genômica ampla (GWAS).

Tais informações se entrelaçam diretamente com a medicina de precisão, uma abordagem emergente que personaliza terapias com base nas particularidades genéticas individuais. A biologia do desenvolvimento, ao estudar como os genes regulam o crescimento e a diferenciação celular, permite projetar intervenções terapêuticas baseadas em conhecimento ancestral genético (BARRESI; GILBERT, 2020). Mais ainda, tecnologias como a CRISPR, detalhadas por Luo (2021), permitem a edição direta do genoma, corrigindo mutações hereditárias ou potencializando genes desejáveis — técnica promissora tanto para o combate a doenças quanto para o aperfeiçoamento genético de futuras gerações.

O avanço da clonagem e da terapia com células-tronco, discutido por Shostak (2002), projeta ainda mais longe os horizontes da biotecnologia. Shostak especula a viabilidade científica da **imortalidade celular**, baseada na regeneração contínua de tecidos e na manutenção dos telômeros — estruturas cuja degradação está associada ao envelhecimento (SONGYANG, 2017). Isso cria uma conexão direta entre os dados genéticos de ancestralidade e os caminhos para a **longevidade programada**: compreender as variantes genéticas que influenciam a renovação celular é fundamental para o desenho de intervenções regenerativas.

Além disso, os dados brutos podem revelar informações sobre a predisposição a doenças hereditárias, respostas a medicamentos e intolerâncias alimentares. Na reprodução assistida, como ressaltam Gardner et al. (2018), esses dados podem orientar a escolha de gametas ou embriões com perfis genéticos mais compatíveis com resultados desejados — seja para prevenir doenças, seja para alinhar com perfis intelectuais, imunológicos ou até estéticos. Essa prática, associada ao diagnóstico genético pré-implantacional (PGD), representa um passo rumo ao que se pode chamar de **seleção sexual genética consciente**, uma evolução tecnológica do instinto sexual inconsciente descrito por Darwin.

No campo da medicina regenerativa, os dados genéticos contribuem para o mapeamento de marcadores relevantes na regeneração de tecidos nervosos, musculares e epiteliais (TAUPIN, 2006, 2007). Estudos como os de Warburton (2007) e Chang (2010) enfatizam a aplicação clínica de células-tronco personalizadas, que exigem conhecimento prévio do genoma do paciente para otimizar resultados terapêuticos e evitar rejeições imunológicas. Assim, testes de ancestralidade podem deixar de ser apenas pessoais para se tornarem **ferramentas clínicas integradas**, usadas na engenharia de órgãos, tratamentos neurológicos e estratégias de rejuvenescimento.

Por fim, há ainda uma dimensão simbólica e sociológica nos dados genéticos: eles oferecem ao indivíduo a oportunidade de se ver como parte de um processo evolutivo contínuo, de compreender a si mesmo como resultado de linhagens intercontinentais, e de participar conscientemente da modelagem do futuro humano. Os dados brutos aqui anexados são uma manifestação desse novo protagonismo genético: não são apenas um registro do passado, mas um roteiro possível para o futuro.

Neste novo cenário, a ciência genética, apoiada em ferramentas como sequenciamento

genômico, edição genética, engenharia de tecidos e clonagem, consolida-se como o eixo da biomedicina do século XXI. Com base nas referências aqui mobilizadas, é possível afirmar que o estudo dos dados de ancestralidade é hoje um **instrumento científico legítimo** para compreender, projetar e **transformar a natureza humana**. Não apenas para tratar doenças, mas para ampliar capacidades, prolongar a vida, aprimorar o corpo e talvez, como especulado por autores como Shostak (2002), **transcender os limites biológicos da mortalidade**. A genética, aliada à biotecnologia, não é mais apenas explicativa — é, sobretudo, **propositiva**.

Genetics of Ancestry: from Sexual Selection to Immortality

Fernando Henrique Pedroso
Email: nando_hp@live.com

The analysis of raw human ancestry data, such as those provided in commercial genetic tests, represents a tangible frontier in molecular biology and evolutionary genetics, and is an integral part of a new scientific paradigm centered on genomic self-knowledge. These data, attached to this file, are not merely a genealogical report; they are, above all, a tool with the potential to drive scientific investigations in the fields of biotechnology, predictive medicine, and bioengineering. Understanding SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) and their heritable patterns is key to unveiling physical traits, intellectual predispositions, and phenotypic profiles — all shaped by thousands of years of natural selection and, more recently, by sexual selection processes.

This publication provides, as an integral and complementary part of the study, a set of appendices essential for the understanding and reproducibility of the research. The content is licensed under the terms of the Creative Commons Attribution 4.0 International license (Anexo A – Licença CC BY 4.0.xmp), ensuring free use, provided the original authorship is attributed. For the purposes of transparency and scientific verification, the raw genetic data used in the analysis are included (Anexo B – Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv), along with their visual documentation, represented by an ethnic photograph related to the raw data (Anexo C – Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png). The textual content is also accompanied by audio versions to increase accessibility: a full reading of the article is provided in Portuguese (Anexo D – Audiopaper_Português.mp3) and in English (Appendix E – Audiopaper_English.mp3). These resources not only reinforce the commitment to open and accessible science, but also broaden the pedagogical and multidisciplinary reach of the work, allowing it to circulate across different media and educational contexts.

According to Darwin, sexual selection is one of the main mechanisms of human evolution, differing from natural selection by favoring traits that increase reproductive success, even if they are not advantageous for survival. Traits such as facial symmetry, body structure, and even cognitive abilities may have been shaped by reproductive preferences over generations, becoming integrated elements of the genetic architecture of populations (DARWIN, 1871). With modern genetic data, it is now possible to measure markers associated with such traits with increasing precision.

From a contemporary perspective, the "selfish gene" concept proposed by Dawkins reframes our understanding of gene function: they are replicators that use organisms as vehicles for perpetuation (DAWKINS, 2007). Thus, the study of ancestry ceases to be a mere reconstruction of lineage and becomes an analysis of the mechanisms by which genes shape and are shaped by selection over time. By examining raw genetic data, we can identify not only maternal and paternal haplogroups, but also alleles linked to

cognitive functions, physical performance, and metabolic responses — elements that, according to Griffiths et al. (2020), are already mapped in genome-wide association studies (GWAS).

This information is directly interwoven with precision medicine, an emerging approach that personalizes therapies based on individual genetic particularities. Developmental biology, by studying how genes regulate growth and cell differentiation, enables the design of therapeutic interventions based on ancestral genetic knowledge (BARRESI; GILBERT, 2020). Furthermore, technologies such as CRISPR, detailed by Luo (2021), allow for direct genome editing, correcting hereditary mutations or enhancing desirable genes — a promising technique for both disease treatment and genetic enhancement of future generations.

The advancement of cloning and stem cell therapy, discussed by Shostak (2002), projects the horizons of biotechnology even further. Shostak speculates on the scientific feasibility of cellular immortality, based on continuous tissue regeneration and maintenance of telomeres — structures whose degradation is associated with aging (SONGYANG, 2017). This creates a direct connection between genetic ancestry data and the pathways to programmed longevity: understanding the genetic variants that influence cell renewal is fundamental for designing regenerative interventions.

Moreover, raw data can reveal information about predispositions to hereditary diseases, drug responses, and food intolerances. In assisted reproduction, as highlighted by Gardner et al. (2018), this data can guide the selection of gametes or embryos with genetic profiles more compatible with desired outcomes — whether to prevent diseases or to align with intellectual, immunological, or even aesthetic profiles. This practice, associated with preimplantation genetic diagnosis (PGD), represents a step toward what might be called conscious genetic sexual selection — a technological evolution of the unconscious sexual instinct described by Darwin.

In the field of regenerative medicine, genetic data contribute to the mapping of relevant markers in the regeneration of neural, muscular, and epithelial tissues (TAUPIN, 2006, 2007). Studies such as those by Warburton (2007) and Chang (2010) emphasize the clinical application of personalized stem cells, which require prior knowledge of the patient's genome to optimize therapeutic outcomes and avoid immunological rejection. Thus, ancestry tests may cease to be merely personal and become integrated clinical tools, used in organ engineering, neurological treatments, and rejuvenation strategies.

Finally, there is also a symbolic and sociological dimension to genetic data: they offer the individual an opportunity to see themselves as part of an ongoing evolutionary process, to understand themselves as the result of intercontinental lineages, and to consciously participate in shaping the human future. The raw data attached here are a manifestation of this new genetic protagonism: they are not merely a record of the past, but a possible roadmap for the future.

In this new scenario, genetic science, supported by tools such as genome sequencing, genetic editing, tissue engineering, and cloning, is consolidated as the axis of 21st-century biomedicine. Based on the references cited here, it is possible to affirm that the study of ancestry data is now a legitimate scientific instrument for understanding, designing, and transforming human nature — not only to treat diseases, but to enhance

capacities, extend life, improve the body, and perhaps, as speculated by authors such as Shostak (2002), transcend the biological limits of mortality. Genetics, allied with biotechnology, is no longer merely explanatory — it is, above all, propositional.

Génétique de l'Ancestralité : de la Sélection Sexuelle à l'Immortalité

Fernando Henrique Pedroso
Email : nando_hp@live.com

L'analyse des données brutes d'ancestralité humaine, telles que fournies par les tests génétiques commerciaux, représente une frontière concrète de la biologie moléculaire et de la génétique évolutive, et constitue une composante essentielle d'un nouveau paradigme scientifique centré sur l'autoconnaissance génomique. Ces données, jointes à ce fichier, ne sont pas seulement un rapport généalogique ; elles sont avant tout un outil doté d'un potentiel considérable pour stimuler les recherches scientifiques dans les domaines de la biotechnologie, de la médecine prédictive et de la bioingénierie. La compréhension des SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) et de leurs schémas héréditaires constitue une clé pour déchiffrer les traits physiques, les prédispositions intellectuelles et les profils phénotypiques, tous façonnés par des milliers d'années de sélection naturelle et, plus récemment, par des processus de sélection sexuelle.

La présente publication met à disposition, en tant qu'élément constitutif et complémentaire de l'étude, un ensemble d'annexes essentiels à la compréhension et à la reproductibilité de la recherche. Le contenu est sous licence Creative Commons Attribution 4.0 International (Anexo A – Licença CC BY 4.0.xmp), garantissant une utilisation libre à condition de mentionner l'auteur original. Dans un souci de transparence et de vérification scientifique, les données génétiques brutes utilisées dans l'analyse ont été incluses (Anexo B – Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv), ainsi que leur documentation visuelle, représentée par une photographie ethnique liée aux données brutes (Anexo C – Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png). Le contenu textuel est également accompagné de versions audio pour renforcer l'accessibilité : la lecture intégrale de l'article est disponible en portugais (Anexo D – Audiopaper_Português.mp3) et en anglais (Appendix E – Audiopaper_English.mp3). Ces ressources renforcent non seulement l'engagement envers une science ouverte et accessible, mais élargissent aussi la portée pédagogique et multidisciplinaire de l'œuvre, permettant sa diffusion à travers différents médias et contextes éducatifs.

Selon Darwin, la sélection sexuelle est l'un des principaux mécanismes de l'évolution humaine, se distinguant de la sélection naturelle en favorisant des traits qui augmentent le succès reproductif, même s'ils ne sont pas avantageux pour la survie. Des caractéristiques comme la symétrie faciale, la structure corporelle et même les capacités cognitives peuvent avoir été façonnées par des préférences reproductives au fil des générations, devenant ainsi des éléments intégrés à l'architecture génétique des populations (DARWIN, 1871). Grâce aux données génétiques modernes, il est désormais possible de mesurer avec une précision croissante les marqueurs associés à ces traits.

Dans une perspective contemporaine, le concept de « gène égoïste » proposé par Dawkins reformule notre vision de la fonction des gènes : ils sont des réplicateurs utilisant les

organismes comme véhicules de perpétuation (DAWKINS, 2007). Ainsi, l'étude de l'ancestralité ne se limite plus à une simple reconstruction de lignées, mais devient une analyse des mécanismes par lesquels les gènes façonnent et sont façonnés par la sélection au fil du temps. En examinant les données génétiques brutes, on peut identifier non seulement les haplogroupes maternels et paternels, mais aussi des allèles liés aux fonctions cognitives, à la performance physique et aux réponses métaboliques — éléments déjà cartographiés dans les études d'association génomique à grande échelle (GWAS), selon Griffiths et al. (2020).

Ces informations s'entrelacent directement avec la médecine de précision, une approche émergente qui personnalise les thérapies en fonction des spécificités génétiques individuelles. La biologie du développement, en étudiant comment les gènes régulent la croissance et la différenciation cellulaire, permet de concevoir des interventions thérapeutiques fondées sur la connaissance génétique ancestrale (BARRESI ; GILBERT, 2020). De plus, des technologies telles que la CRISPR, détaillées par Luo (2021), permettent l'édition directe du génome, en corrigeant des mutations héréditaires ou en renforçant des gènes souhaitables — une technique prometteuse tant pour le traitement des maladies que pour l'amélioration génétique des générations futures.

Le progrès de la clonage et de la thérapie par cellules souches, discuté par Shostak (2002), projette encore plus loin les horizons de la biotechnologie. Shostak envisage la viabilité scientifique de l'immortalité cellulaire, fondée sur la régénération continue des tissus et la préservation des télomères — structures dont la dégradation est associée au vieillissement (SONGYANG, 2017). Cela crée un lien direct entre les données génétiques d'ancestralité et les voies vers la longévité programmée : comprendre les variantes génétiques influençant la régénération cellulaire est fondamental pour concevoir des interventions régénératives.

En outre, les données brutes peuvent révéler des informations sur la prédisposition aux maladies héréditaires, les réactions aux médicaments et les intolérances alimentaires. En reproduction assistée, comme le soulignent Gardner et al. (2018), ces données peuvent orienter le choix des gamètes ou des embryons présentant des profils génétiques plus compatibles avec les résultats souhaités — que ce soit pour prévenir des maladies, ou pour correspondre à des profils intellectuels, immunologiques, voire esthétiques. Cette pratique, associée au diagnostic génétique préimplantatoire (PGD), représente une avancée vers ce que l'on peut appeler une sélection sexuelle génétique consciente, une évolution technologique de l'instinct sexuel inconscient décrit par Darwin.

Dans le domaine de la médecine régénérative, les données génétiques contribuent au repérage de marqueurs pertinents pour la régénération des tissus nerveux, musculaires et épithéliaux (TAUPIN, 2006, 2007). Des études comme celles de Warburton (2007) et Chang (2010) soulignent l'application clinique de cellules souches personnalisées, nécessitant une connaissance préalable du génome du patient afin d'optimiser les résultats thérapeutiques et d'éviter les rejets immunitaires. Ainsi, les tests d'ancestralité peuvent cesser d'être simplement personnels pour devenir des outils cliniques intégrés, utilisés en ingénierie des organes, en traitements neurologiques et en stratégies de rajeunissement.

Enfin, il existe aussi une dimension symbolique et sociologique dans les données génétiques : elles offrent à l'individu l'opportunité de se percevoir comme partie prenante d'un processus évolutif continu, de se comprendre comme le résultat de lignées

intercontinentales, et de participer consciemment à la modélisation du futur humain. Les données brutes jointes ici sont une manifestation de ce nouveau protagonisme génétique : elles ne sont pas seulement une archive du passé, mais un scénario possible pour l'avenir.

Dans ce nouveau contexte, la science génétique, appuyée par des outils tels que le séquençage génomique, l'édition génétique, l'ingénierie tissulaire et la clonage, s'affirme comme le pilier de la biomédecine du XXIe siècle. Sur la base des références mobilisées ici, on peut affirmer que l'étude des données d'ancestralité constitue aujourd'hui un instrument scientifique légitime pour comprendre, concevoir et transformer la nature humaine. Non seulement pour soigner des maladies, mais pour élargir les capacités, prolonger la vie, améliorer le corps et peut-être, comme l'ont spéculé des auteurs tels que Shostak (2002), transcender les limites biologiques de la mortalité. La génétique, alliée à la biotechnologie, n'est plus seulement explicative — elle est surtout prospective.

الوراثة السلفية: من الانتقاء الجنسي إلى الخلود

فرناندو إنريكي بيدروسو
البريد الإلكتروني: nando_hp@live.com

تحليل البيانات الخام للأنساب البشرية، كما هو الحال في الاختبارات الجينية التجارية، يمثل حدودًا ملموسة لعلم الأحياء الجزيئي والوراثة التطورية، ويُعد جزءًا لا يتجزأ من نموذج علمي جديد يركز على المعرفة الذاتية الجينومية. هذه البيانات، المرفقة في هذا الملف، لا تشكل مجرد تقرير نسبي؛ بل هي أداة ذات إمكانات كبيرة لدفع التحقيقات العلمية في مجالات التكنولوجيا الحيوية، والطب التنبؤي، والهندسة الحيوية. فهم (SNPs) (تعدد أشكال النوكليوتيد المفرد) وأنماطها الوراثية هو مفتاح لفك رموز السمات الجسدية، والاستعدادات الفكرية، والملامح الظاهرية، التي تشكلت جميعها عبر آلاف السنين من الانتقاء الطبيعي، ومؤخرًا، من خلال عمليات الانتقاء الجنسي.

تقدم هذه المنشورة، كجزء لا يتجزأ ومكمل للدراسة، مجموعة من الملاحق الأساسية لفهم وإعادة إنتاج البحث. المحتوى مرخص بموجب شروط رخصة (Creative Commons Attribution 4.0 International) (Anexo A – Licença CC BY 4.0.xmp)، مما يضمن الاستخدام الحر بشرط نسب التأليف الأصلي. لأغراض الشفافية والتحقق العلمي، تم تضمين البيانات الجينية الخام المستخدمة في التحليل (Anexo B – Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv)، بالإضافة إلى توثيقها البصري، ممثلًا بصورة إثنية تتعلق بالبيانات الخام (Anexo C – Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png). يرافق المحتوى النصي أيضًا نسخ بصيغة صوتية، بهدف توسيع الوصول: القراءة الكاملة للمقال مسجلة بالبرتغالية (Anexo D – Audiopaper_Português.mp3) وبالإنجليزية (Appendix E – Audiopaper_English.mp3). تعزز هذه الموارد الالتزام بالعلم المفتوح والمتاح، كما توسع النطاق التعليمي والمتعدد التخصصات للعمل، مما يسمح بتداوله في وسائط وسياقات تعليمية مختلفة.

وفقًا لداروين، يُعد الانتقاء الجنسي أحد الآليات الرئيسية لتطور الإنسان، حيث يختلف عن الانتقاء الطبيعي بترجيح السمات التي تزيد من النجاح التناسلي، حتى وإن لم تكن مفيدة للبقاء. قد تكون خصائص مثل التماثل الوجهي، وبنية الجسم، وحتى القدرات المعرفية، قد تشكلت من خلال التفضيلات التناسلية عبر الأجيال، مما جعلها عناصر مدمجة في البنية الجينية للسكان (DARWIN, 1871). مع البيانات الجينية الحديثة، أصبح من الممكن قياس العلامات المرتبطة بهذه السمات بدقة متزايدة.

من منظور معاصر، يعيد مفهوم "الجين الأناني" الذي اقترحه دوكينز تشكيل رؤيتنا لوظيفة الجينات: فهي مكررات تستخدم الكائنات كوسائل للبقاء (DAWKINS, 2007). وبالتالي، لم يعد دراسة الأنساب مجرد إعادة بناء للسلالة، بل أصبح تحليلًا للآليات التي تشكل بها الجينات وتتشكل من خلال الانتقاء عبر الزمن. من خلال فحص البيانات الجينية الخام، يمكننا تحديد ليس فقط مجموعات الهبلوغروب الأمومية والأبوية، ولكن أيضًا الأليلات المرتبطة بالوظائف المعرفية، والأداء البدني، والاستجابات الأيضية — وهي عناصر، وفقًا لـ (Griffiths et al., 2020)، تم بالفعل رسم

خرائطها في دراسات الارتباط الجينومي الواسعة (GWAS).

تتداخل هذه المعلومات مباشرة مع الطب الدقيق، وهو نهج ناشئ يخصص العلاجات بناءً على الخصائص الجينية الفردية. تسمح بيولوجيا التطور، من خلال دراسة كيفية تنظيم الجينات للنمو والتمايز الخلوي، بتصميم تدخلات علاجية تستند إلى المعرفة الجينية السلفية (BARRESI; GILBERT, 2020). علاوة على ذلك، تسمح تقنيات مثل (CRISPR)، التي وصفها (Luo, 2021)، بالتحرير المباشر للجينوم، مما يصحح الطفرات الوراثية أو يعزز الجينات المرغوبة — وهي تقنية واعدة لمكافحة الأمراض وتحسين الجينات للأجيال القادمة.

يُظهر تقدم الاستنساخ والعلاج بالخلايا الجذعية، الذي ناقشه (Shostak, 2002)، آفاقًا أوسع للتكنولوجيا الحيوية. يتكهن (Shostak) بإمكانية الخلود الخلوي العلمي، استنادًا إلى التجديد المستمر للأنسجة وصيانة التيلوميرات — وهي هياكل يرتبط تدهورها بالشيخوخة (SONGYANG, 2017). يخلق هذا ارتباطًا مباشرًا بين البيانات الجينية للأنساب وطرق تحقيق طول العمر المبرمج: فهم المتغيرات الجينية التي تؤثر على تجديد الخلايا أمر أساسي لتصميم تدخلات تجديدية.

بالإضافة إلى ذلك، يمكن أن تكشف البيانات الخام عن معلومات حول الاستعداد للأمراض الوراثية، والاستجابات للأدوية، وعدم تحمل بعض الأطعمة. في مجال التكاثر المساعد، كما أشار (Gardner et al., 2018)، يمكن أن توجه هذه البيانات اختيار الأمشاج أو الأجنة ذات الملفات الجينية الأكثر توافقًا مع النتائج المرغوبة — سواء لمنع الأمراض، أو لمواءمة الملفات الفكرية، أو المناعية، أو حتى الجمالية. تمثل هذه الممارسة، المرتبطة بالتشخيص الجيني قبل الزرع (PGD)، خطوة نحو ما يمكن تسميته بالانتقاء الجنسي الجيني الواعي، وهو تطور تكنولوجي للغريزة الجنسية اللاواعية التي وصفها داروين.

في مجال الطب التجديدي، تسهم البيانات الجينية في رسم خرائط للعلامات ذات الصلة بتجديد الأنسجة العصبية، والعضلية، والطلائية (TAUPIN, 2006, 2007). تؤكد دراسات مثل تلك التي أجراها (Warburton, 2007) و(Chang, 2010) على التطبيق السريري للخلايا الجذعية المخصصة، والتي تتطلب معرفة مسبقة بجينوم المريض لتحسين النتائج العلاجية وتجنب الرفض المناعي. وبالتالي، يمكن أن تتحول اختبارات الأنساب من كونها شخصية فقط إلى أدوات سريرية متكاملة، تُستخدم في هندسة الأعضاء، والعلاجات العصبية، واستراتيجيات التجديد.

أخيرًا، هناك بُعد رمزي واجتماعي في البيانات الجينية: فهي توفر للفرد فرصة لرؤية نفسه كجزء من عملية تطورية مستمرة، لفهم نفسه كنتيجة لسلالات عابرة للقارات، وللمشاركة بوعي في تشكيل مستقبل البشرية. البيانات الخام المرفقة هنا هي تجسيد لهذا الدور الجيني الجديد: فهي ليست مجرد سجل للماضي، بل خريطة محتملة للمستقبل.

في هذا السياق الجديد، تُثبت العلوم الجينية، المدعومة بأدوات مثل تسلسل الجينوم، وتحرير الجينات، وهندسة الأنسجة، والاستنساخ، نفسها كمحور للطب الحيوي في القرن الحادي والعشرين. استنادًا إلى المراجع المستخدمة هنا، يمكن القول إن دراسة بيانات الأنساب هي اليوم أداة علمية مشروعة لفهم، وتصميم، وتحويل الطبيعة البشرية. ليس فقط لعلاج الأمراض، ولكن لتوسيع القدرات، وإطالة العمر، وتحسين الجسم، وربما،

كما تكهن مؤلفون مثل (Shostak, 2002)، تجاوز حدود الموت البيولوجي. الوراثة، بالتعاون مع التكنولوجيا الحيوية، لم تعد مجرد تفسيرية — بل هي، قبل كل شيء، اقتراحية.

Genética de la Ancestralidad: de la Selección Sexual a la Inmortalidad

Fernando Henrique Pedroso
Correo electrónico: nando_hp@live.com

El análisis de datos brutos de ancestralidad humana, como los proporcionados en pruebas genéticas comerciales, representa una frontera concreta de la biología molecular y de la genética evolutiva, y es parte integral de un nuevo paradigma científico centrado en el autoconocimiento genómico. Tales datos, anexados en este archivo, no constituyen únicamente un informe genealógico; son, sobre todo, una herramienta con potencial para impulsar investigaciones científicas en las áreas de biotecnología, medicina predictiva y bioingeniería. La comprensión de los SNPs (polimorfismos de nucleótido único) y de sus patrones heredables es clave para descifrar rasgos físicos, predisposiciones intelectuales y perfiles fenotípicos, todos ellos moldeados por miles de años de selección natural y, más recientemente, por procesos de selección sexual.

La presente publicación pone a disposición, como parte integrante y complementaria del estudio, un conjunto de anexos esenciales para la comprensión y la reproducibilidad de la investigación. El contenido está licenciado bajo los términos de la licencia (Creative Commons Attribution 4.0 International) (Anexo A – Licença CC BY 4.0.xmp), garantizando el uso libre, siempre que se atribuya la autoría original. Con fines de transparencia y verificación científica, se incluyeron los datos genéticos brutos utilizados en el análisis (Anexo B – Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv), así como su documentación visual, representada por una fotografía étnica referente a los datos brutos (Anexo C – Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png). El contenido textual también está acompañado de versiones en formato de audio, con el fin de ampliar la accesibilidad: la lectura integral del artículo se encuentra registrada en portugués (Anexo D – Audiopaper_Português.mp3) y en inglés (Appendix E – Audiopaper_English.mp3). Estos recursos no solo refuerzan el compromiso con la ciencia abierta y accesible, sino que también amplían el alcance pedagógico y multidisciplinario de la obra, permitiendo su circulación en diferentes medios y contextos educativos.

Según Darwin, la selección sexual es uno de los principales mecanismos de la evolución humana, diferenciándose de la selección natural al favorecer rasgos que aumentan el éxito reproductivo, incluso si no son ventajosos para la supervivencia. Características como la simetría facial, la estructura corporal e incluso las habilidades cognitivas pueden haber sido moldeadas por preferencias reproductivas a lo largo de las generaciones, convirtiéndose en elementos integrados en la arquitectura genética de las poblaciones (DARWIN, 1871). Con los datos genéticos modernos, se vuelve posible medir marcadores asociados a tales rasgos con precisión creciente.

Desde una perspectiva contemporánea, el concepto de "gen egoísta" propuesto por Dawkins reformula nuestra visión sobre la función de los genes: son replicadores que utilizan a los organismos como vehículos de perpetuación (DAWKINS, 2007). Así, el estudio de la ancestralidad deja de ser una simple reconstrucción de linajes y pasa a ser un análisis de los mecanismos por los cuales los genes moldean y son moldeados por la

selección a lo largo del tiempo. Al examinar datos genéticos brutos, podemos identificar no solo haplogrupos maternos y paternos, sino también alelos ligados a funciones cognitivas, rendimiento físico y respuestas metabólicas — elementos que, según Griffiths et al. (2020), ya han sido mapeados en estudios de asociación genómica amplia (GWAS).

Tales informaciones se entrelazan directamente con la medicina de precisión, un enfoque emergente que personaliza terapias con base en las particularidades genéticas individuales. La biología del desarrollo, al estudiar cómo los genes regulan el crecimiento y la diferenciación celular, permite diseñar intervenciones terapéuticas basadas en el conocimiento genético ancestral (BARRESI; GILBERT, 2020). Más aún, tecnologías como (CRISPR), detalladas por Luo (2021), permiten la edición directa del genoma, corrigiendo mutaciones hereditarias o potenciando genes deseables — técnica prometedora tanto para el combate a enfermedades como para el perfeccionamiento genético de futuras generaciones.

El avance de la clonación y de la terapia con células madre, discutido por Shostak (2002), proyecta aún más lejos los horizontes de la biotecnología. Shostak especula sobre la viabilidad científica de la inmortalidad celular, basada en la regeneración continua de tejidos y en el mantenimiento de los telómeros — estructuras cuya degradación está asociada al envejecimiento (SONGYANG, 2017). Esto crea una conexión directa entre los datos genéticos de ancestralidad y los caminos hacia la longevidad programada: comprender las variantes genéticas que influyen en la renovación celular es fundamental para el diseño de intervenciones regenerativas.

Además, los datos brutos pueden revelar informaciones sobre la predisposición a enfermedades hereditarias, respuestas a medicamentos e intolerancias alimentarias. En la reproducción asistida, como destacan Gardner et al. (2018), estos datos pueden orientar la elección de gametos o embriones con perfiles genéticos más compatibles con resultados deseados — ya sea para prevenir enfermedades, o para alinearse con perfiles intelectuales, inmunológicos o incluso estéticos. Esta práctica, asociada al diagnóstico genético preimplantacional (PGD), representa un paso hacia lo que se puede llamar selección sexual genética consciente, una evolución tecnológica del instinto sexual inconsciente descrito por Darwin.

En el campo de la medicina regenerativa, los datos genéticos contribuyen al mapeo de marcadores relevantes en la regeneración de tejidos nerviosos, musculares y epiteliales (TAUPIN, 2006, 2007). Estudios como los de Warburton (2007) y Chang (2010) enfatizan la aplicación clínica de células madre personalizadas, que requieren conocimiento previo del genoma del paciente para optimizar los resultados terapéuticos y evitar rechazos inmunológicos. Así, las pruebas de ancestralidad pueden dejar de ser meramente personales para convertirse en herramientas clínicas integradas, utilizadas en la ingeniería de órganos, tratamientos neurológicos y estrategias de rejuvenecimiento.

Por último, existe aún una dimensión simbólica y sociológica en los datos genéticos: ofrecen al individuo la oportunidad de verse como parte de un proceso evolutivo continuo, de comprenderse a sí mismo como resultado de linajes intercontinentales, y de participar conscientemente en la modelación del futuro humano. Los datos brutos aquí anexados son una manifestación de ese nuevo protagonismo genético: no son solamente un registro del pasado, sino un posible guion para el futuro.

En este nuevo escenario, la ciencia genética, apoyada en herramientas como el secuenciamiento genómico, la edición genética, la ingeniería de tejidos y la clonación, se consolida como el eje de la biomedicina del siglo XXI. Con base en las referencias aquí movilizadas, es posible afirmar que el estudio de los datos de ancestralidad es hoy un instrumento científico legítimo para comprender, diseñar y transformar la naturaleza humana. No solo para tratar enfermedades, sino para ampliar capacidades, prolongar la vida, perfeccionar el cuerpo y tal vez, como han especulado autores como Shostak (2002), trascender los límites biológicos de la mortalidad. La genética, aliada a la biotecnología, ya no es solo explicativa — es, sobre todo, propositiva.

祖先遗传学:从性选择到永生

Fernando Henrique Pedroso
电子邮件:nando_hp@live.com

对人类祖先的原始数据进行分析,例如商业基因测试中提供的数据,代表了分子生物学和进化遗传学的一个实际前沿,并且是以基因自我认知为中心的新科学范式的重要组成部分。这些数据,附在本文件中,不仅仅是一个族谱报告;更是一种具有潜力推动生物技术、预测医学和生物工程领域研究的工具。理解SNPs(单核苷酸多态性)及其可遗传模式,是揭示身体特征、智力倾向和表型特征的关键——这些特征皆由数千年的自然选择塑造,近来也受到性选择过程的影响。

本出版物作为研究的一部分,提供了几个对理解和复制研究至关重要的附件。该内容依据Creative Commons Attribution 4.0 International(Anexo A – Licença CC BY 4.0.xmp)许可条款授权,允许自由使用,只需注明原始作者即可。为了科学透明性和可验证性,本文包含了用于分析的原始基因数据(Anexo B – Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv),以及与原始数据相关的民族照片记录(Anexo C – Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png)。此外,还提供了文本内容的音频版本,以提高可访问性:该文章的完整朗读版本包括葡萄牙语(Anexo D – Audiopaper_Português.mp3)和英语(Appendix E – Audiopaper_English.mp3)。这些资源不仅体现了开放科学和可获取性原则,也增强了本作品的教学和跨学科传播能力,使其能在不同媒体和教育环境中传播。

根据达尔文的观点,性选择是人类进化的主要机制之一,与自然选择不同,它偏好那些即使不利于生存,却能提升繁殖成功率的特征。例如面部对称、身体结构甚至认知能力,可能在世代间被生殖偏好所塑造,最终成为人群基因结构的一部分(DARWIN, 1871)。借助现代基因数据,我们如今可以越来越精确地测量与这些特征相关的标记。

在当代视角中,道金斯提出的"自私的基因"概念重新塑造了我们对基因功能的理解:它们是利用生物体作为复制工具的复制者(DAWKINS, 2007)。因此,祖先研究不再只是血统重建,而是分析基因如何在选择压力下塑造并被塑造的过程。通过对原始基因数据的分析,我们不仅可以识别母系和父系单倍群,还能识别与认知功能、身体表现和代谢反应有关的等位基因——这些要素,如Griffiths等人(2020)指出,已在广泛的基因组关联研究(GWAS)中被绘制出来。

这些信息直接与精准医疗相关,这是一种根据个体基因特征量身定制治疗的新兴方法。发育生物学通过研究基因如何调控细胞生长和分化,提供了基于祖先基因知识的治疗干预设计基础(BARRESI; GILBERT, 2020)。此外,如Luo(2021)所详述的CRISPR技术,使基因组的直接编辑成为可能,不仅能纠正遗传突变,也能增强所需基因功能——这是一种在疾病治疗和未来世代基因优化中都极具前景的技术。

克隆和干细胞治疗的进展,如Shostak(2002)所讨论,进一步拓展了生物技术的边界。Shostak推测,基于组织持续再生和端粒维护的细胞永生在科学上是可行的,而端粒的退化通常与衰老有关(SONGYANG, 2017)。这使祖先遗传数据与规划式长寿路径之间建

立起直接联系：理解影响细胞更新的基因变异是设计再生性治疗干预的关键。

此外，原始数据还可揭示有关遗传性疾病倾向、药物反应和食物不耐的相关信息。在辅助生殖领域，正如Gardner等人（2018）所指出，这些数据可以用于选择具有更合适基因特征的配子或胚胎——无论是为了预防疾病，还是为了匹配理想的认知、免疫或外观特征。这一实践，加上胚胎植入前遗传诊断（PGD），代表了所谓的“有意识的性选择遗传”方向，是达尔文所描述的无意识性本能的技术进化形式。

在再生医学领域，基因数据有助于识别在神经、肌肉和上皮组织再生中起关键作用的标记（TAUPIN，2006，2007）。Warburton（2007）和Chang（2010）等人的研究强调了个体化干细胞在临床上的应用，这类治疗需要病人基因组的先验知识，以优化治疗效果并避免免疫排斥。因此，祖先测试将不仅仅是个人使用工具，还可转化为集成的临床工具，应用于器官工程、神经治疗和抗衰老策略中。

最后，基因数据还具有象征性和社会学维度：它们赋予个体将自身视为持续演化过程一部分的机会，使人认识到自己是跨大陆世系的产物，并有意识地参与人类未来的塑造。此处附带的原始数据正是这一新型基因自主权的体现：不仅记录过去，更描绘了一种可能的未来路径。

在这一新格局下，基因科学借助基因组测序、基因编辑、组织工程和克隆等工具，已成为21世纪生物医学的核心。依据本文所引用的参考文献，可以断言祖先数据的研究如今已成为一种合法的科学工具，用于理解、设计并改变人类本性。这不仅是为了治疗疾病，更是为了增强能力、延长寿命、优化身体，甚至正如Shostak（2002）等人所设想的那样，超越死亡的生物学限制。基因学与生物技术的结合如今已不仅仅是解释性的，更是倡导性和规划性的。

Genetik der Abstammung: Von sexueller Selektion zur Unsterblichkeit

Fernando Henrique Pedroso
E-Mail: nando_hp@live.com

Die Analyse von Rohdaten zur menschlichen Abstammung, wie sie durch kommerzielle Gentests bereitgestellt werden, stellt eine konkrete Grenze der Molekularbiologie und der evolutionären Genetik dar und ist ein integraler Bestandteil eines neuen wissenschaftlichen Paradigmas, das auf genomischem Selbstverständnis basiert. Solche Daten, die in dieser Datei beigefügt sind, stellen nicht nur einen genealogischen Bericht dar; vielmehr sind sie ein Werkzeug mit dem Potenzial, wissenschaftliche Untersuchungen in den Bereichen Biotechnologie, prädiktive Medizin und Bioingenieurwesen voranzutreiben. Das Verständnis von SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) und ihrer vererbbaren Muster ist der Schlüssel zur Entschlüsselung physischer Merkmale, intellektueller Prädispositionen und phänotypischer Profile, die alle durch Tausende von Jahren natürlicher Selektion und, in jüngerer Zeit, durch Prozesse sexueller Selektion geformt wurden.

Diese Veröffentlichung stellt als integralen und ergänzenden Bestandteil der Studie eine Reihe von Anhängen zur Verfügung, die für das Verständnis und die Reproduzierbarkeit der Forschung wesentlich sind. Der Inhalt ist unter den Bedingungen der Creative Commons Attribution 4.0 International-Lizenz (Anexo A – Licença CC BY 4.0.xmp) lizenziert, was eine freie Nutzung ermöglicht, sofern die ursprüngliche Urheberschaft angegeben wird. Zur Transparenz und wissenschaftlichen Überprüfung wurden die in der Analyse verwendeten Rohdaten (Anexo B – Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv) sowie deren visuelle Dokumentation, dargestellt durch ein ethnisches Foto in Bezug auf die Rohdaten (Anexo C – Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png), beigefügt. Der Textinhalt wird auch von Audioformaten begleitet, um die Zugänglichkeit zu erhöhen: die vollständige Lesung des Artikels ist auf Portugiesisch (Anexo D – Audiopaper_Português.mp3) und auf Englisch (Appendix E – Audiopaper_English.mp3) verfügbar. Diese Ressourcen stärken nicht nur das Engagement für offene und zugängliche Wissenschaft, sondern erweitern auch die pädagogische und multidisziplinäre Reichweite des Werks, indem sie seine Verbreitung in verschiedenen Medien und Bildungskontexten ermöglichen.

Laut Darwin ist die sexuelle Selektion einer der Hauptmechanismen der menschlichen Evolution, der sich von der natürlichen Selektion dadurch unterscheidet, dass er Merkmale begünstigt, die den reproduktiven Erfolg erhöhen, auch wenn sie für das Überleben nicht vorteilhaft sind. Eigenschaften wie Gesichtssymmetrie, Körperstruktur und sogar kognitive Fähigkeiten könnten über Generationen hinweg durch reproduktive Präferenzen geformt worden sein und sind somit integrale Bestandteile der genetischen Architektur von Populationen geworden (DARWIN, 1871). Mit modernen genetischen Daten ist es möglich, Marker, die mit solchen Merkmalen verbunden sind, mit zunehmender Präzision zu messen.

Aus zeitgenössischer Perspektive reformuliert das von Dawkins vorgeschlagene Konzept des „egoistischen Gens“ unsere Sicht auf die Funktion von Genen: Sie sind Replikatoren, die Organismen als Vehikel zur Fortpflanzung nutzen (DAWKINS, 2007). Somit ist das Studium der Abstammung nicht mehr nur eine einfache Rekonstruktion von Stammbäumen, sondern eine Analyse der Mechanismen, durch die Gene im Laufe der Zeit durch Selektion geformt werden und diese formen. Durch die Untersuchung von Rohdaten können wir nicht nur mütterliche und väterliche Haplogruppen identifizieren, sondern auch Allele, die mit kognitiven Funktionen, körperlicher Leistungsfähigkeit und metabolischen Reaktionen verbunden sind – Elemente, die laut Griffiths et al. (2020) bereits in groß angelegten genomischen Assoziationsstudien (GWAS) kartiert wurden.

Solche Informationen stehen in direktem Zusammenhang mit der Präzisionsmedizin, einem aufkommenden Ansatz, der Therapien basierend auf individuellen genetischen Besonderheiten personalisiert. Die Entwicklungsbiologie, die untersucht, wie Gene das Wachstum und die Zelldifferenzierung regulieren, ermöglicht die Entwicklung therapeutischer Interventionen basierend auf genetischem Abstammungswissen (BARRESI; GILBERT, 2020). Darüber hinaus ermöglichen Technologien wie CRISPR, detailliert von Luo (2021), die direkte Bearbeitung des Genoms, um erbliche Mutationen zu korrigieren oder wünschenswerte Gene zu verstärken – eine vielversprechende Technik sowohl zur Bekämpfung von Krankheiten als auch zur genetischen Verbesserung zukünftiger Generationen.

Der Fortschritt in der Klonierung und Stammzelltherapie, diskutiert von Shostak (2002), erweitert die Horizonte der Biotechnologie noch weiter. Shostak spekuliert über die wissenschaftliche Machbarkeit der zellulären Unsterblichkeit, basierend auf kontinuierlicher Geweberegeneration und der Aufrechterhaltung von Telomeren – Strukturen, deren Abbau mit dem Altern verbunden ist (SONGYANG, 2017). Dies schafft eine direkte Verbindung zwischen genetischen Abstammungsdaten und Wegen zur programmierten Langlebigkeit: Das Verständnis genetischer Varianten, die die Zellregeneration beeinflussen, ist entscheidend für die Gestaltung regenerativer Interventionen.

Darüber hinaus können Rohdaten Informationen über die Prädisposition für erbliche Krankheiten, Medikamentenreaktionen und Nahrungsmittelunverträglichkeiten offenbaren. In der assistierten Reproduktion können diese Daten, wie von Gardner et al. (2018) hervorgehoben, die Auswahl von Gameten oder Embryonen mit genetischen Profilen leiten, die besser mit gewünschten Ergebnissen kompatibel sind – sei es zur Krankheitsprävention oder zur Ausrichtung auf intellektuelle, immunologische oder sogar ästhetische Profile. Diese Praxis, verbunden mit der präimplantationsgenetischen Diagnostik (PGD), stellt einen Schritt in Richtung dessen dar, was als bewusste genetische sexuelle Selektion bezeichnet werden kann – eine technologische Evolution des unbewussten sexuellen Instinkts, wie von Darwin beschrieben.

Im Bereich der regenerativen Medizin tragen genetische Daten zur Kartierung relevanter Marker bei der Regeneration von Nerven-, Muskel- und Epithelgewebe bei (TAUPIN, 2006, 2007). Studien wie die von Warburton (2007) und Chang (2010) betonen die klinische Anwendung personalisierter Stammzellen, die ein vorheriges Wissen über das Genom des Patienten erfordern, um therapeutische Ergebnisse zu optimieren und immunologische Abstoßungen zu vermeiden. Somit können Abstammungstests über den persönlichen Gebrauch hinausgehen und zu integrierten klinischen Werkzeugen werden, die in der

Organentwicklung, neurologischen Behandlungen und Verjüngungsstrategien eingesetzt werden.

Schließlich gibt es auch eine symbolische und soziologische Dimension in genetischen Daten: Sie bieten dem Einzelnen die Möglichkeit, sich als Teil eines kontinuierlichen evolutiven Prozesses zu sehen, sich selbst als Ergebnis interkontinentaler Linien zu verstehen und bewusst an der Gestaltung der menschlichen Zukunft teilzunehmen. Die hier beigefügten Rohdaten sind ein Ausdruck dieser neuen genetischen Selbstbestimmung: Sie sind nicht nur ein Protokoll der Vergangenheit, sondern ein möglicher Fahrplan für die Zukunft.

In diesem neuen Szenario etabliert sich die genetische Wissenschaft, unterstützt durch Werkzeuge wie Genomsequenzierung, Genbearbeitung, Gewebeengineering und Klonierung, als Achse der Biomedizin des 21. Jahrhunderts. Basierend auf den hier mobilisierten Referenzen kann festgestellt werden, dass das Studium von Abstammungsdaten heute ein legitimes wissenschaftliches Instrument ist, um die menschliche Natur zu verstehen, zu entwerfen und zu transformieren – nicht nur zur Behandlung von Krankheiten, sondern auch zur Erweiterung von Fähigkeiten, Verlängerung des Lebens, Verbesserung des Körpers und vielleicht, wie von Autoren wie Shostak (2002) spekuliert, zur Überschreitung der biologischen Grenzen der Sterblichkeit. Genetik, verbunden mit Biotechnologie, ist nicht mehr nur erklärend – sie ist vor allem vorschlagend.

祖先遺伝学：性的選択から不死性へ

フェルナンド・エンリケ・ペドロソ
メール：nando_hp@live.com

商業的な遺伝子検査で提供されるような人間の祖先に関する生データの分析は、分子生物学と進化遺伝学の具体的な最前線を表しており、ゲノム自己認識に焦点を当てた新しい科学的パラダイムの不可欠な部分です。このファイルに添付されたデータは、単なる系譜報告書ではなく、バイオテクノロジー、予測医療、生体工学の分野での科学的調査を促進する可能性を持つツールです。SNPs（単一ヌクレオチド多型）とその遺伝パターンの理解は、身体的特徴、知的傾向、表現型プロファイルを解明する鍵であり、これらは何千年もの自然選択、そして最近では性的選択のプロセスによって形成されています。

本出版物は、研究の理解と再現性に不可欠な付録を提供しています。内容は、Creative Commons Attribution 4.0 International（Anexo A – Licença CC BY 4.0.xmp）のライセンスの下で提供されており、元の著者に帰属する限り自由に使用できます。科学的な透明性と検証のために、分析に使用された生の遺伝データ（Anexo B – Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv）と、その視覚的なドキュメントである生データに関連する民族写真（Anexo C – Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png）が含まれています。また、テキストコンテンツには、ポルトガル語（Anexo D – Audiopaper_Português.mp3）と英語（Appendix E – Audiopaper_English.mp3）の音声形式のバージョンも付属しており、アクセシビリティを向上させています。これらのリソースは、オープンでアクセス可能な科学へのコミットメントを強化するだけでなく、作品の教育的および学際的な範囲を拡大し、さまざまなメディアや教育的文脈での流通を可能にします。

ダーウィンによれば、性的選択は人間の進化の主要なメカニズムの一つであり、生存に有利でなくても繁殖成功を高める特徴を支持する点で自然選択とは異なります。顔の対称性、体の構造、さらには認知能力などの特徴は、世代を超えた繁殖の好みによって形成され、集団の遺伝的構造に統合された要素となっている可能性があります（DARWIN, 1871）。現代の遺伝データを用いることで、これらの特徴に関連するマーカーをますます正確に測定することが可能になります。

現代の視点では、ドーキンスが提唱した「利己的な遺伝子」の概念が遺伝子の機能に対する我々の見方を再構築します：遺伝子は、自己複製のために生物を利用するレプリケーターです（DAWKINS, 2007）。したがって、祖先の研究は単なる系譜の再構築ではなく、時間を通じて遺伝子が選択によってどのように形成され、また形成されるかのメカニズムの分析となります。生の遺伝データを調べることで、母系および父系のハプログループだけでなく、認知機能、身体的パフォーマンス、代謝反応に関連するアレルも特定できます。これらの要素は、Griffithsら（2020）によれば、すでに広範なゲノム関連研究（GWAS）でマッピングされています。

これらの情報は、個々の遺伝的特性に基づいて治療をパーソナライズする新興のアプローチである精密医療と直接関連しています。発生生物学は、遺伝子が成長と細胞分化をどのように制御するかを研究することで、遺伝的祖先の知識に基づいた治療介入を設計することを可能にします（BARRESI; GILBERT, 2020）。さらに、Luo（2021）によって詳細に説明されたCRISPRのような技術は、ゲノムの直接編集を可能にし、遺伝性変異を修正したり、望ましい遺伝子を強化したりすることができます。これは、病気の治療だけでなく、将来の世代の遺伝的改善にも有望な技術です。

Shostak（2002）によって議論されたクローン技術と幹細胞療法の進歩は、バイオテクノロジーの展望をさらに広げます。Shostakは、組織の継続的な再生とテロメアの維持に基づく細胞の不死性の科学的実現可能性を推測しています。テロメアの劣化は老化と関連しています（SONGYANG, 2017）。これは、祖先の遺伝データと計画された長寿への道との直接的なつながりを生み出します：細胞の再生を促進する遺伝的変異を理解することは、再生介入の設計に不可欠です。

さらに、生のデータは、遺伝性疾患への素因、薬物反応、食物不耐性に関する情報を明らかにする可能性があります。Gardnerら（2018）が強調するように、補助生殖において、これらのデータは、望ましい結果とより互換性のある遺伝的プロファイルを持つ配偶子や胚の選択を導くことができます。これは、病気を予防するためであれ、知的、免疫学的、さらには美的なプロファイルと一致させるためであれです。この実践は、着床前遺伝子診断（PGD）と関連しており、ダーウィンが記述した無意識の性的本能の技術的進化である意識的な遺伝的性的選択への一歩を表しています。

再生医療の分野では、遺伝データは神経、筋肉、上皮組織の再生に関連するマーカーのマッピングに貢献します（TAUPIN, 2006, 2007）。Warburton（2007）やChang（2010）のような研究は、患者のゲノムに関する事前の知識を必要とする個別化された幹細胞の臨床応用を強調しており、治療結果を最適化し、免疫拒絶を避けることができます。したがって、祖先検査は個人的なものにとどまらず、臓器工学、神経治療、若返り戦略に使用される統合された臨床ツールとなる可能性があります。

最後に、遺伝データには象徴的および社会学的な側面もあります：それらは、個人が自分自身を進化の継続的なプロセスの一部として見る機会を提供し、異なる大陸の系統の結果として自分自身を理解し、人間の未来の形成に意識的に参加することを可能にします。ここに添付された生データは、この新しい遺伝的主体性の表れです：それらは過去の記録だけでなく、未来への可能な道筋です。

この新しい状況において、ゲノムシーケンシング、遺伝子編集、組織工学、クローン技術などのツールに支えられた遺伝学は、21世紀の生物医学の中心軸として確立されています。ここで引用された参考文献に基づいて、祖先データの研究は、今日、人間の本質を理解し、設計し、変革するための正当な科学的手段で

Генетика происхождения: от полового отбора к бессмертию

Фернандо Энрике Педрозу
Email: nando_hp@live.com

Анализ необработанных данных о человеческом происхождении, таких как те, что предоставляются в коммерческих генетических тестах, представляет собой конкретную границу молекулярной биологии и эволюционной генетики и является неотъемлемой частью новой научной парадигмы, сосредоточенной на геномном самопознании. Эти данные, **(anexado neste arquivo)**, представляют собой не просто генеалогический отчет; прежде всего, это инструмент с потенциалом для стимулирования научных исследований в области биотехнологии, прецизионной медицины и биоинженерии. Понимание **SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único)** и их наследуемых моделей — ключ к раскрытию физических черт, интеллектуальных предрасположенностей и фенотипических профилей, сформированных тысячелетиями естественного отбора, а в последние времена — процессами полового отбора.

Настоящая публикация предоставляет в качестве неотъемлемой и дополняющей части исследования набор приложений, необходимых для понимания и воспроизводимости исследования. Содержание лицензировано на условиях **Creative Commons Attribution 4.0 International (Anexo A – Licença CC BY 4.0.xmp)**, что обеспечивает свободное использование при условии указания оригинального авторства. В целях научной прозрачности и проверки включены использованные в анализе необработанные генетические данные **(Anexo B – Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv)**, а также их визуальная документация, представленная этнической фотографией, соответствующей этим данным **(Anexo C – Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png)**. Текстовое содержание также сопровождается аудиоверсиями для повышения доступности: полное прочтение статьи записано на португальском **(Anexo D – Audiopaper_Português.mp3)** и английском языках **(Appendix E – Audiopaper_English.mp3)**. Эти ресурсы не только подчеркивают приверженность открытому и доступному научному знанию, но и расширяют педагогический и междисциплинарный охват работы, позволяя ее распространение через различные медиа и образовательные контексты.

Согласно Дарвину, половой отбор является одним из основных механизмов человеческой эволюции, отличаясь от естественного отбора тем, что благоприятствует признакам, увеличивающим репродуктивный успех, даже если они не способствуют выживанию.

Такие характеристики, как симметрия лица, телосложение и даже когнитивные способности, могли быть сформированы репродуктивными предпочтениями на протяжении поколений, став интегрированными элементами генетической архитектуры популяций **(DARWIN, 1871)**. С помощью современных генетических данных становится возможным с возрастающей точностью измерять маркеры, связанные с этими признаками.

С современной точки зрения концепция «эгоистичного гена», предложенная Докинзом, переосмысливает наше представление о функции генов: они являются репликаторами, использующими организмы в качестве транспортных средств для своего самовоспроизведения **(DAWKINS, 2007)**. Таким образом, исследование происхождения перестает быть простой реконструкцией родословной и становится анализом механизмов, с помощью которых гены формируются и трансформируются отбором со временем. Изучая необработанные генетические данные, мы можем определить не только материнские и отцовские гаплогруппы, но и аллели, связанные с когнитивными функциями, физической работоспособностью и метаболическими ответами — элементами, которые, согласно **Griffiths et al. (2020)**, уже картографируются в рамках **(estudos de associação genômica ampla – GWAS)**.

Эта информация напрямую связана с прецизионной медициной — новой парадигмой, направленной на персонализацию терапии с учетом индивидуальных генетических особенностей. Развитие биологии, исследующей, как гены регулируют рост и клеточную дифференциацию, позволяет проектировать терапевтические вмешательства, основанные на генетических знаниях о происхождении **(BARRESI; GILBERT, 2020)**. Более того, такие технологии, как **CRISPR**, подробно описанные **Luo (2021)**, позволяют напрямую редактировать геном, исправляя наследственные мутации или усиливая желательные гены — перспективная техника как для лечения заболеваний, так и для генетического улучшения будущих поколений.

Прогресс в области клонирования и терапии с использованием стволовых клеток, обсуждаемый **Shostak (2002)**, расширяет горизонты биотехнологии ещё дальше. Шостак предполагает научную возможность клеточного бессмертия, основанную на непрерывной регенерации тканей и поддержании теломер — структур, деградация которых связана со старением **(SONGYANG, 2017)**. Это создаёт прямую связь между генетическими данными о происхождении и путями к запрограммированному долголетию: понимание генетических вариантов, влияющих на клеточное обновление, имеет решающее значение для разработки регенеративных вмешательств.

Кроме того, необработанные данные могут раскрыть информацию о предрасположенности к наследственным заболеваниям, реакции на медикаменты и пищевой непереносимости. В контексте

вспомогательной репродукции, как подчеркивают **Gardner et al. (2018)**, эти данные могут направлять выбор гамет или эмбрионов с генетическими профилями, более соответствующими желаемым результатам — будь то профилактика заболеваний, соответствие интеллектуальным, иммунологическим или даже эстетическим характеристикам. Эта практика, связанная с **(diagnóstico genético pré-implantacional – PGD)**, представляет собой шаг к тому, что можно назвать сознательным генетическим половым отбором — технологической эволюцией бессознательного сексуального инстинкта, описанного Дарвином.

В области регенеративной медицины генетические данные способствуют картированию маркеров, связанных с регенерацией нервной, мышечной и эпителиальной тканей **(TAUPIN, 2006, 2007)**. Исследования, такие как **Warburton (2007)** и **Chang (2010)**, подчеркивают клиническое применение индивидуализированных стволовых клеток, требующее предварительных знаний о геноме пациента для оптимизации терапевтических результатов и предотвращения иммунологических отторжений. Таким образом, тесты на происхождение могут перестать быть сугубо личными и стать интегрированными клиническими инструментами, используемыми в инженерии органов, неврологических лечениях и стратегиях омоложения.

Наконец, в генетических данных присутствует также символическое и социологическое измерение: они предлагают человеку возможность воспринимать себя как часть непрерывного эволюционного процесса, осознавать себя как результат межконтинентальных родословных и сознательно участвовать в формировании будущего человечества. Необработанные данные, представленные здесь, являются проявлением этого нового генетического субъективизма: это не просто запись прошлого, но возможный сценарий будущего.

В этом новом контексте генетическая наука, опирающаяся на такие инструменты, как **(sequenciamento genômico)**, **(edição genética)**, **(engenharia de tecidos)** и **(clonagem)**, утверждается как центральная ось биомедицины **XXI** века. Основываясь на приведённых здесь источниках, можно утверждать, что изучение данных о происхождении сегодня является законным научным средством для понимания, проектирования и трансформации человеческой природы. Не только для лечения болезней, но и для расширения возможностей, продления жизни, улучшения тела и, возможно, как предполагают авторы вроде **Shostak (2002)**, для преодоления биологических границ смертности. Генетика, в союзе с биотехнологией, больше не является просто объяснительной наукой — она, прежде всего, направлена на созидание.

גנטיקה של אבות: מבחירה מינית לאלמוות

פרננדו אנריקה פדרוסו
דוא"ל: nando_hp@live.com

ניתוח נתוני אבות גולמיים של בני אדם, כמו אלו המסופקים בבדיקות גנטיות מסחריות, מייצג גבול ממשי של הביולוגיה המולקולרית והגנטיקה האבולוציונית, והוא חלק בלתי נפרד מפרדיגמה מדעית חדשה המתמקדת בהיכרות עצמית גנומית. נתונים אלו, המצורפים בקובץ זה, אינם מהווים רק דוח גנאלוגי; הם, מעל לכל, כלי בעל פוטנציאל לקידום מחקרים מדעיים בתחומי הביוטכנולוגיה, הרפואה המנבאת והביוהנדסה. הבנת ה-SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) ודפוסי הירושה שלהם היא מפתח לפענוח תכונות פיזיות, נטיות אינטלקטואליות ופרופילים פנוטיפיים, כולם מעוצבים על ידי אלפי שנים של ברירה טבעית, ובזמן האחרון, על ידי תהליכים של ברירה מינית.

הפרסום הנוכחי מציע, כחלק בלתי נפרד ומשלים למחקר, סט של נספחים חיוניים להבנה ולשחזור המחקר. התוכן מורשה תחת תנאי רישיון Creative Commons Attribution 4.0 International (Anexo A – Licença CC BY 4.0.xmp), המבטיח שימוש חופשי, כל עוד ניתנת קרדיט למחבר המקורי. לצורך שקיפות ואימות מדעי, נכללו הנתונים הגנטיים הגולמיים ששימשו בניתוח (Anexo B – Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv), וכן התיעוד הווידואלי שלהם, המיוצג על ידי צילום אתני המתייחס לנתונים הגולמיים (Anexo C – Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png). התוכן הטקסטואלי מלווה גם בגרסאות בפורמט שמע, כדי להרחיב את הנגישות: הקריאה המלאה של המאמר מוקלטת בפורטוגזית (Anexo D – Audiopaper_Português.mp3) ובאנגלית (Appendix E – Audiopaper_English.mp3). משאבים אלו לא רק מחזקים את המחויבות למדע פתוח ונגיש, אלא גם מרחיבים את ההשפעה הפדגוגית והרב-תחומית של העבודה, ומאפשרים את הפצתה במדיות שונות ובהקשרים חינוכיים מגוונים.

לפי דרווין, הברירה המינית היא אחד המנגנונים העיקריים של האבולוציה האנושית, והיא נבדלת מהברירה הטבעית בכך שהיא מעדיפה תכונות שמגבירות את ההצלחה הרבייתית, גם אם אינן מועילות להישרדות. תכונות כמו סימטריה פנים, מבנה גוף ואפילו יכולות קוגניטיביות עשויות היו להיות מעוצבות על ידי העדפות רבייה לאורך הדורות, והפכו לאלמנטים משולבים בארכיטקטורה הגנטית של האוכלוסיות (DARWIN, 1871). עם הנתונים הגנטיים המודרניים, ניתן למדוד סמנים הקשורים לתכונות אלו בדיוק הולך וגדל.

מנקודת מבט עכשווית, מושג ה"גֶן האנוכי" שהוצע על ידי דוקינס מעצב מחדש את תפיסתנו לגבי תפקיד הגנים: הם משכפלים המשתמשים באורגניזמים ככלי להמשכיותם (DAWKINS, 2007). כך, חקר האבות חדל מלהיות רק שחזור פשוט של שושלת והופך לניתוח של המנגנונים שבאמצעותם הגנים מעצבים ומעוצבים על ידי הברירה לאורך הזמן. בבחינת נתונים גנטיים גולמיים, ניתן לזהות לא רק הפלוגרופים אימהיים ואבהיים, אלא גם אללים הקשורים לתפקודים קוגניטיביים, ביצועים פיזיים ותגובות מטבוליות — אלמנטים

שלפי Griffiths et al. (2020), כבר ממופים במחקרים של אסוציאציות גנומיות רחבות (GWAS).

מידע זה משתלב ישירות עם הרפואה המדויקת, גישה מתפתחת המותאמת אישית לטיפולים על בסיס המאפיינים הגנטיים האישיים. ביולוגיית ההתפתחות, בחקר האופן שבו גנים מווסתים את הצמיחה וההתמיינות התאית, מאפשרת לתכנן התערבויות טיפוליות המבוססות על ידע גנטי אבותי (BARRESI; GILBERT, 2020). יתרה מכך, טכנולוגיות כמו CRISPR, המתוארות על ידי Luo (2021), מאפשרות עריכה ישירה של הגנום, תיקון מוטציות תורשתיות או חיזוק גנים רצויים — טכניקה מבטיחה הן למאבק במחלות והן לשיפור גנטי של הדורות הבאים.

התקדמות השיבוט והטיפול בתאי גזע, שנדונה על ידי Shostak (2002), מרחיבה עוד יותר את אופק הביוטכנולוגיה. Shostak משער את האפשרות המדעית של אלמוות תאי, המבוסס על התחדשות מתמדת של רקמות ושמירה על הטלומרים — מבנים שהידרדרותם קשורה להזדקנות (SONGYANG, 2017). זה יוצר קשר ישיר בין הנתונים הגנטיים של האבות לדרכים לאריכות ימים מתוכננת: הבנת הוריאנטים הגנטיים המשפיעים על התחדשות תאים היא חיונית לתכנון התערבויות רגנרטיביות.

בנוסף, הנתונים הגולמיים יכולים לחשוף מידע על נטייה למחלות תורשתיות, תגובות לתרופות ואי-סבילות למזון. ברבייה בסיוע, כפי שמדגישים Gardner et al. (2018), נתונים אלו יכולים להנחות את בחירת הגמטות או העוברים עם פרופילים גנטיים התואמים יותר לתוצאות הרצויות — בין אם למניעת מחלות, ובין אם להתאמה לפרופילים אינטלקטואליים, חיסוניים או אפילו אסתטיים. פרקטיקה זו, הקשורה לאבחון גנטי טרום-השתלה (PGD), מייצגת צעד לעבר מה שניתן לכנות ברירה מינית גנטית מודעת, אבולוציה טכנולוגית של האינסטינקט המיני הלא-מודע שתואר על ידי דרווין.

בתחום הרפואה הרגנרטיבית, הנתונים הגנטיים תורמים למיפוי סמנים רלוונטיים בהתחדשות רקמות עצביות, שריריות ואפיתליאליות (TAUPIN, 2006, 2007). מחקרים כמו אלו של Warburton (2007) ו-Chang (2010) מדגישים את היישום הקליני של תאי גזע מותאמים אישית, הדורשים ידע מוקדם של הגנום של המטופל כדי לייעל את התוצאות הטיפוליות ולמנוע דחיות חיסוניות. כך, בדיקות אבות עשויות להפוך מכלים אישיים בלבד לכלים קליניים משולבים, המשמשים בהנדסת איברים, טיפולים נוירולוגיים ואסטרטגיות של התחדשות.

לבסוף, קיימת גם מימד סמלי וסוציולוגי בנתונים הגנטיים: הם מציעים לאדם את ההזדמנות לראות את עצמו כחלק מתהליך אבולוציוני מתמשך, להבין את עצמו כתוצאה של שושלות בין-יבשתיות, ולהשתתף באופן מודע בעיצוב העתיד האנושי. הנתונים הגולמיים המצורפים כאן הם ביטוי למנהיגות הגנטית החדשה הזו: הם אינם רק תיעוד של העבר, אלא תסריט אפשרי לעתיד.

בתוך תרחיש חדש זה, המדע הגנטי, הנתמך בכלים כמו ריצוף גנומי, עריכה גנטית, הנדסת רקמות ושיבוט, מתבסס כציר המרכזי של הביומדיצינה של המאה ה-21. בהתבסס על המקורות שהוזכרו כאן, ניתן לקבוע כי חקר נתוני האבות הוא כיום כלי מדעי לגיטימי להבנה, תכנון ושינוי הטבע האנושי.

לא רק לטיפול במחלות, אלא גם להרחבת יכולות, הארכת חיים, שיפור הגוף ואולי, כפי ששוער על ידי מחברים כמו Shostak (2002), להתעלות על הגבולות הביולוגיים של התמותה. הגנטיקה, בשילוב עם הביוטכנולוגיה, אינה עוד רק מסבירה — היא, מעל לכל, מציעה.

वंशानुक्रमिकता का आनुवंशिकी: यौन चयन से अमरता तक

फर्नांदो हेनरिके पेड्रोसो
ईमेल: nando_hp@live.com

मानव वंशानुक्रम के कच्चे डेटा का विश्लेषण, जैसे कि वाणिज्यिक आनुवंशिक परीक्षणों में प्रदान किए गए, आणविक जीवविज्ञान और विकासात्मक आनुवंशिकी की एक ठोस सीमा का प्रतिनिधित्व करता है, और यह एक नए वैज्ञानिक दृष्टिकोण का एक अभिन्न हिस्सा है जो जीनोमिक आत्मज्ञान पर केंद्रित है। ऐसे डेटा, जो इस फ़ाइल में संलग्न हैं, केवल एक वंशावली रिपोर्ट नहीं हैं; ये, मुख्य रूप से, बायोटेक्नोलॉजी, पूर्वानुमान चिकित्सा और बायोइंजीनियरिंग के क्षेत्रों में वैज्ञानिक अनुसंधान को बढ़ावा देने की क्षमता रखने वाला एक उपकरण हैं। SNPs (**एकल न्यूक्लियोटाइड पॉलीमॉर्फिज़्म) और उनके वंशानुगत पैटर्न की समझ शारीरिक लक्षणों, बौद्धिक प्रवृत्तियों और फिनोटाइपिक प्रोफाइल्स को उजागर करने की कुंजी है, जो हजारों वर्षों की प्राकृतिक चयन और हाल ही में यौन चयन प्रक्रियाओं द्वारा आकारित होते हैं।**

यह वर्तमान प्रकाशन, अध्ययन के एक अभिन्न और पूरक हिस्से के रूप में, अनुसंधान की समझ और पुनरुत्पादन क्षमता के लिए आवश्यक सहायक सामग्री प्रदान करता है। सामग्री को क्रिएटिव कॉमन्स एट्रिब्यूशन 4.0 इंटरनेशनल लाइसेंस (Anexo A – **लाइसेंस** CC BY 4.0.xmp) **के तहत लाइसेंसित किया गया है, जो मूल लेखक को श्रेय देने की शर्त पर मुफ्त उपयोग की अनुमति देता है। पारदर्शिता और वैज्ञानिक सत्यापन के उद्देश्य से, विश्लेषण में उपयोग किए गए कच्चे आनुवंशिक डेटा को शामिल किया गया है (**Anexo B – Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv), **साथ ही उनकी दृश्य डॉक्यूमेंटेशन, जो कच्चे डेटा से संबंधित जातीय फ़ोटोग्राफ़ी के रूप में प्रस्तुत की गई है (**Anexo C – Fotografia_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png) **पाठ सामग्री भी ऑडियो प्रारूप में उपलब्ध है, ताकि पहुंच में वृद्धि हो सके: लेख का पूर्ण पठन पुर्तगाली में (**Anexo D – Audiopaper_Português.mp3) **और अंग्रेजी में (**Appendix E – Audiopaper_English.mp3) **रिकॉर्ड किया गया है। ये संसाधन न केवल खुले और सुलभ विज्ञान के प्रति प्रतिबद्धता को मजबूत करते हैं, बल्कि कार्य के शैक्षिक और बहुविधीय पहुंच को भी विस्तृत करते हैं, जिससे इसे विभिन्न मीडिया और शैक्षिक संदर्भों में प्रसार की अनुमति मिलती है।**

डार्विन के अनुसार, यौन चयन मानव विकास का एक प्रमुख तंत्र है, जो प्राकृतिक चयन से अलग है क्योंकि यह उन लक्षणों को बढ़ावा देता है जो प्रजनन सफलता को बढ़ाते हैं, भले ही वे जीवन रक्षा के लिए फायदेमंद न हों। चेहरे की असमतलता, शारीरिक संरचना और यहां तक कि संज्ञानात्मक क्षमताओं जैसे लक्षण यौन चयन द्वारा पीढ़ी दर पीढ़ी आकारित हुए होंगे, और ये अब जनसंख्या की आनुवंशिक संरचना में एकीकृत तत्व बन गए हैं (DARWIN, 1871) **आधुनिक आनुवंशिक डेटा के साथ, अब ऐसे लक्षणों से जुड़े मार्करों को बढ़ती सटीकता के साथ मापना संभव हो गया है।**

आधुनिक दृष्टिकोण में, डॉकिन्स द्वारा प्रस्तावित "स्वार्थी जीन" का सिद्धांत हमारे जीनों की भूमिका के बारे में हमारी समझ को पुनः आकारित करता है: वे पुनरुत्पादक हैं जो जीवों का उपयोग विरासत की निरंतरता के वाहक के रूप में करते हैं (DAWKINS, 2007) **इस प्रकार, वंशानुक्रम का अध्ययन अब**

केवल वंशावली का पुनर्निर्माण नहीं रह जाता, बल्कि यह उन तंत्रों का विश्लेषण बन जाता है जिनके द्वारा जीन समय के साथ चयन द्वारा आकारित होते हैं और आकारित करते हैं। कच्चे आनुवंशिक डेटा का विश्लेषण करते समय, हम न केवल मातृ और पितृ हैपलोग्रुप्स की पहचान कर सकते हैं, बल्कि संज्ञानात्मक कार्यों, शारीरिक प्रदर्शन और मेटाबोलिक प्रतिक्रियाओं से जुड़े एलील्स की भी पहचान कर सकते हैं — तत्व जो, ग्रिफिथ्स एट अल. (2020) के अनुसार, पहले से ही व्यापक जीनोमिक एसोसिएशन स्टडीज (GWAS) में मैप किए जा चुके हैं।

इस प्रकार की जानकारी सीधे-सीधे व्यक्तिगत चिकित्सा में उपयोगी है, जो एक उभरता हुआ दृष्टिकोण है जो व्यक्तिगत आनुवंशिक विशेषताओं के आधार पर चिकित्सा उपचारों को अनुकूलित करता है। विकासात्मक जीवविज्ञान, जो यह अध्ययन करता है कि जीन कोशिका के विकास और विभेदन को कैसे नियंत्रित करते हैं, हमें पूर्वजों के आनुवंशिक ज्ञान पर आधारित चिकित्सीय हस्तक्षेपों की योजना बनाने की अनुमति देता है (BARRESI; GILBERT, 2020) और अधिक, CRISPR जैसी प्रौद्योगिकियां, जिन्हें लुओ (2021) ने विस्तार से बताया है, सीधे जीनोम संपादन की अनुमति देती हैं, आनुवंशिक उत्परिवर्तनों को ठीक करती हैं या इच्छित जीनों को बढ़ाती हैं — यह तकनीक न केवल बीमारियों से लड़ने के लिए, बल्कि भविष्य की पीढ़ियों के आनुवंशिक सुधार के लिए भी आशाजनक है।

क्लोनिंग और स्टेम सेल थेरेपी की प्रगति, जिसे शॉस्टैक (2002) ने चर्चा की है, बायोटेक्नोलॉजी के क्षितिज को और भी आगे बढ़ाती है। शॉस्टैक कोशिकाओं की अमरता की वैज्ञानिक संभाव्यता पर विचार करते हैं, जो निरंतर ऊतक पुनर्जनन और टेलोमर्स की रक्षा पर आधारित है — संरचनाएं जिनकी गिरावट उम्र बढ़ने से जुड़ी हुई है (SONGYANG, 2017) यह वंशानुक्रमिक आनुवंशिक डेटा और नियोजित दीर्घायु के रास्तों के बीच एक सीधा संबंध बनाता है: उन आनुवंशिक वेरिएंट्स को समझना जो कोशिका नवीनीकरण को प्रभावित करते हैं, पुनर्योजी हस्तक्षेपों की डिज़ाइन के लिए महत्वपूर्ण है।

इसके अलावा, कच्चे डेटा आनुवंशिक बीमारियों के प्रति प्रवृत्तियों, दवाओं पर प्रतिक्रियाओं और खाद्य असहिष्णुता के बारे में जानकारी प्रदान कर सकते हैं। सहायक प्रजनन में, जैसे कि गार्डनर एट अल. (2018) ने बताया है, यह डेटा उन अंडाणुओं या भ्रूणों के चयन में मार्गदर्शन कर सकता है जिनके आनुवंशिक प्रोफाइल इच्छित परिणामों के साथ अधिक संगत होते हैं — चाहे बीमारी को रोकने के लिए हो, बौद्धिक, प्रतिरक्षात्मक या यहां तक कि सौंदर्य संबंधी प्रोफाइल के साथ मेल खाने के लिए। यह प्रथा, पूर्व-प्रभावशाली आनुवंशिक निदान (PGD) से जुड़ी हुई है, जिसे हम आनुवंशिक यौन चयन की सचेत रूप से चयनित प्रौद्योगिकी के रूप में देख सकते हैं, जो डार्विन द्वारा वर्णित अदृश्य यौन चयन की प्रौद्योगिकी है।

पुनर्योजी चिकित्सा के क्षेत्र में, आनुवंशिक डेटा तंत्रिका, मांसपेशियों और उपकला ऊतकों के पुनर्जनन में प्रासंगिक मार्करों के मानचित्रण में योगदान करता है (TAUPIN, 2006, 2007) वारबर्टन (2007) और चांग (2010) जैसे अध्ययन कस्टम स्टेम सेल्स के चिकित्सीय अनुप्रयोगों पर बल देते हैं, जो रोगी के जीनोम का पूर्व-ज्ञान प्राप्त करने की आवश्यकता होती है ताकि चिकित्सीय परिणामों को अनुकूलित किया जा सके और इम्यूनोलॉजिकल अस्वीकृति से बचा जा सके। इस प्रकार, वंशानुक्रम परीक्षण अब केवल व्यक्तिगत नहीं होंगे, बल्कि वे एकीकृत चिकित्सा उपकरण बन सकते हैं, जो अंगों की इंजीनियरिंग, न्यूरोलॉजिकल उपचारों और पुनर्विकास रणनीतियों में उपयोग किए जाएंगे।

अंत में, आनुवंशिक डेटा में एक प्रतीकात्मक और सामाजिक-वैज्ञानिक आयाम भी है: यह व्यक्ति को एक निरंतर विकासात्मक प्रक्रिया का हिस्सा होने का अवसर प्रदान करता है, स्वयं को अंतरमहाद्वीपीय वंशों

का परिणाम के रूप में समझने और मानव भविष्य के निर्माण में सचेत रूप से भाग लेने का अवसर प्रदान करता है। यहां संलग्न कच्चे डेटा इस नए आनुवंशिक नायकत्व की अभिव्यक्ति हैं: वे केवल अतीत का रिकॉर्ड नहीं हैं, बल्कि भविष्य के लिए एक संभावित मार्गदर्शिका हैं।

इस नए परिप्रेक्ष्य में, आनुवंशिकी, जीनोमिक अनुक्रमण, जीन संपादन, ऊतक इंजीनियरिंग और क्लोनिंग जैसी उपकरणों के साथ, 21वीं सदी की बायोमेडिसिन के केंद्रीय ध्रुव के रूप में स्थापित होती है। यहाँ पर की गई संदर्भों के आधार पर, यह कहा जा सकता है कि वंशानुक्रम डेटा का अध्ययन आज एक वैध वैज्ञानिक उपकरण है, जो मानव स्वभाव को समझने, डिजाइन करने और रूपांतरित करने के लिए है। यह केवल बीमारियों का इलाज करने के लिए नहीं, बल्कि क्षमताओं को बढ़ाने, जीवन को बढ़ाने, शरीर को सुधारने और शायद, जैसा कि शॉस्टैक (2002) जैसे लेखकों ने अनुमान लगाया है, मृत्यु के जैविक सीमाओं को पार करने के लिए है। आनुवंशिकी, बायोटेक्नोलॉजी के साथ मिलकर, अब केवल व्याख्यात्मक नहीं है — यह मुख्य रूप से प्रस्तावक है।

Genetik av Ancestralitet: Från Sexuell Selektion till Odödlighet

Fernando Henrique Pedroso
Email: nando_hp@live.com

Analys av rådata om mänsklig härstamning, som de som tillhandahålls genom kommersiella genetiska tester, representerar en konkret gräns för molekylärbiologi och evolutionär genetik, och är en integrerad del av ett nytt vetenskapligt paradigm centrerat kring genomiskt självkunskap. Dessa data, som bifogas i denna fil, utgör inte bara en släktträdrapport; de är framförallt ett verktyg med potential att driva vetenskapliga undersökningar inom områden som bioteknik, prediktiv medicin och bioengineering. Förståelsen av SNP:er (single nucleotide polymorphisms) och deras ärftliga mönster är en nyckel till att avslöja fysiska drag, intellektuella förmågor och fenotypiska profiler, alla formade av tusentals år av naturligt urval och, mer nyligen, av processer för sexuell selektion.

Denna publikation tillhandahåller, som en integrerad och kompletterande del av studien, en uppsättning bilagor som är avgörande för förståelsen och reproducerbarheten av forskningen. Innehållet är licensierat enligt villkoren för Creative Commons Attribution 4.0 International License (Bilaga A – Licens CC BY 4.0.xmp), vilket garanterar fri användning, förutsatt att ursprunglig författare anges. För transparens och vetenskaplig verifiering har rågenetiska data som användes i analysen inkluderats (Bilaga B – Data_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.csv), likaså deras visuella dokumentation, representerad av en etnisk fotografi relaterad till rådata (Bilaga C – Fotografi_Referente_aos_Dados_Brutos_Fernando_Henrique_Pedroso.png). Det textuella innehållet åtföljs också av ljudversioner för att öka tillgängligheten: hela artikeln finns inspelad på portugisiska (Bilaga D – Audiopaper_Português.mp3) och engelska (Appendix E – Audiopaper_English.mp3). Dessa resurser stärker inte bara engagemanget för öppen och tillgänglig vetenskap, utan vidgar också verkets pedagogiska och tvärvetenskapliga räckvidd, vilket möjliggör dess spridning på olika medier och i utbildningskontexter.

Enligt Darwin är sexuell selektion en av de viktigaste mekanismerna för mänsklig evolution, som skiljer sig från naturlig selektion genom att främja drag som ökar den reproduktiva framgången, även om de inte är fördelaktiga för överlevnaden. Egenskaper som ansiktssymmetri, kroppens struktur och till och med kognitiva förmågor kan ha formats av reproduktionspreferenser genom generationer, och blivit integrerade i den genetiska arkitekturen hos populationer (DARWIN, 1871). Med moderna genetiska data blir det möjligt att mäta markörer kopplade till sådana drag med ökande precision.

I den samtida perspektivet omformulerar begreppet "egoistiskt gen" som föreslagits av Dawkins vår syn på geners funktion: de är replikatorer som använder organismer som fordon för att förlänga sig själva (DAWKINS, 2007). På så sätt slutar studiet av härstamning att vara en enkel rekonstruering av släktskap och blir en analys av de mekanismer genom vilka gener formar och formas av selektion över tid. Genom att undersöka rådata om härstamning kan vi identifiera inte bara modergenenetiska haplogrupper och fädernes haplogrupper, utan också alleler kopplade till kognitiva funktioner, fysisk prestation och metaboliska svar — element som enligt Griffiths et al.

(2020) redan kartläggs i studier av genomska associationer (GWAS).
Sådana informationer sammanflätas direkt med precisionsmedicin, ett framväxande tillvägagångssätt som anpassar terapier baserat på individuella genetiska egenskaper. Utvecklingsbiologi, genom att studera hur gener reglerar tillväxt och cellulär differentiering, möjliggör design av terapeutiska interventioner baserade på genetisk förfäderkunskap (BARRESI; GILBERT, 2020). Dessutom gör teknologier som CRISPR, detaljerade av Luo (2021), direkt genometeditering möjlig, vilket rättar ärftliga mutationer eller förstärker önskvärda gener — en lovande teknik för att bekämpa sjukdomar och förbättra genetiken hos framtida generationer.
Framstegen inom kloning och stamcellsterapi, som diskuteras av Shostak (2002), projicerar ännu längre horisonter för biotekniken. Shostak spekulerar om den vetenskapliga genomförbarheten av cellulär odödlighet, baserat på kontinuerlig regenerering av vävnader och underhåll av telomerer — strukturer vars nedbrytning är kopplad till åldrande (SONGYANG, 2017). Detta skapar en direkt koppling mellan härstamningsdata och vägar till programmerad livslängd: att förstå de genetiska variationerna som påverkar cellulär förnyelse är avgörande för designen av regenerativa interventioner.
Dessutom kan rådata avslöja information om predisposition till ärftliga sjukdomar, medicinrespons och matintoleranser. Vid assisterad reproduktion, som framhåller Gardner et al. (2018), kan dessa data vägleda valet av gameter eller embryon med genetiska profiler som är mer förenliga med önskade resultat — oavsett om det handlar om att förhindra sjukdomar eller att anpassa sig till intellektuella, immunologiska eller till och med estetiska profiler. Denna praxis, i samband med pre-implantation genetisk diagnos (PGD), representerar ett steg mot det som kan kallas medveten sexuell genetisk selektion, en teknologisk utveckling av det omedvetna sexuella instinktet som Darwin beskrev.
Inom regenerativ medicin bidrar genetiska data till kartläggningen av relevanta markörer för regenerering av nerv-, muskel- och epitelvävnader (TAUPIN, 2006, 2007). Studier som de av Warburton (2007) och Chang (2010) betonar den kliniska tillämpningen av anpassade stamceller, som kräver förhandskunskap om patientens genom för att optimera terapeutiska resultat och undvika immunologiska avstötningar. På så sätt kan härstamningstest bli mer än bara personliga; de kan bli integrerade kliniska verktyg som används inom organingenjörskap, neurologiska behandlingar och strategier för förnyelse.
Slutligen finns det en symbolisk och sociologisk dimension i genetiska data: de ger individen möjlighet att se sig själv som en del av en kontinuerlig evolutionär process, att förstå sig själv som resultatet av interkontinentala släkter och att medvetet delta i formandet av mänsklighetens framtid. De rådata som här bifogas är en manifestation av denna nya genetiska protagonism: de är inte bara en registrering av det förflutna, utan ett möjligt manus för framtiden.
I detta nya landskap konsolideras den genetiska vetenskapen, stödd på verktyg som genomomsekvensering, genedittering, vävnadsingenjörskap och kloning, som axeln för 2000-talets biomedicin. Med de referenser som här har mobiliserats kan man påstå att studiet av härstamningsdata idag är ett legitimt vetenskapligt verktyg för att förstå, designa och transformera den mänskliga naturen. Inte bara för att behandla sjukdomar, utan för att utvidga kapaciteter, förlänga livet, förbättra kroppen och kanske, som spekulerat av författare som Shostak (2002), övervinna de biologiska gränserna för dödlighet. Genetik, i samarbete med bioteknik, är inte längre bara förklarande — det är framförallt förslagande.

Bibliografia

ALBERTS, Bruce et al. *Molecular biology of the cell*. 6. ed. New York: Garland Science, 2015.

BARRESI, Michael J. F.; GILBERT, Scott F. *Developmental biology*. 12. ed. Sunderland: Sinauer Associates, 2020.

CHANG, Thomas Ming Swi. *Regenerative medicine, artificial cells and nanomedicine*. Hackensack: World Scientific, 2010.

DAWKINS, Richard. *O gene egoísta*. 2. ed. São Paulo: Companhia das Letras, 2007.

DARWIN, Charles. *A origem do homem e a seleção sexual*. Tradução de Attilio Cancian, Eduardo Nunes Fonseca e Maxim Behar. São Paulo: Madras, 2009.

DARWIN, Charles. *A origem das espécies por meio de seleção natural*. São Paulo: Martin Claret, 2001.

GARDNER, David K. et al. *Textbook of assisted reproductive techniques: Volume 1: Laboratory perspectives*. 5. ed. Boca Raton: CRC Press, 2018.

GRIFFITHS, Anthony J. F. et al. *Introduction to genetic analysis*. 12. ed. New York: W. H. Freeman, 2020.

LUO, Yonglun. *CRISPR gene editing: methods and protocols*. New York: Humana Press, 2021.

SHOSTAK, Stanley. *Becoming immortal: combining cloning and stem-cell therapy*. Albany: State University of New York Press, 2002.

SONGYANG, Zhou. *Telomeres and telomerase: methods and protocols*. 2. ed. New York: Humana Press, 2017.

TAUPIN, Philippe. *Stem cells and regenerative medicine: Embryonic and adult stem cells*. New York: Nova Science Publishers, 2007.

TAUPIN, Philippe. *Stem cells and regenerative medicine: Adult neurogenesis and neural stem cells*. New York: Nova Science Publishers, 2006.

WARBURTON, David. *Stem cells, tissue engineering and regenerative medicine*. New York: Springer, 2007.

Declaração de Autoria e Uso Científico de Dados Brutos Genéticos de Ancestralidade

Genética da Ancestralidade: da Seleção Sexual à Imortalidade © 2025 by Fernando Henrique Pedroso is licensed under Creative Commons Attribution 4.0 International

1. Apresentação

Eu, **Fernando Henrique Pedroso**, portador(a) dos dados genéticos brutos de ancestralidade aqui anexados em formato .csv, venho por meio desta declaração formalizar e reconhecer minha autoria, titularidade e responsabilidade sobre os referidos dados, os quais foram obtidos por meio de um teste genético pessoal contratado junto a uma empresa de análise genômica comercial. Tais dados foram extraídos com base em consentimento informado, estando em plena conformidade com a legislação brasileira vigente, incluindo a **Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD, Lei nº 13.709/2018)**.

Esta obra e seus anexos encontram-se sob a **Licença Creative Commons CC BY 4.0**, permitindo seu compartilhamento, adaptação e uso para fins acadêmicos, científicos ou educacionais, desde que os devidos créditos sejam atribuídos ao autor.

2. Contexto e Justificativa

A ciência genética atravessa uma revolução sem precedentes, na qual o autoconhecimento genômico se insere como uma ferramenta poderosa de leitura do corpo humano, da saúde, da ancestralidade e do comportamento. A análise dos **SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único)** presentes em meus dados genéticos brutos oferece a possibilidade de identificação de **haplogrupos maternos e paternos**, inferências sobre **origens ancestrais**, além de potenciais **características fenotípicas, cognitivas e metabólicas**.

A disponibilização dos meus dados tem como finalidade principal contribuir para a produção de **conhecimento científico e cultural**, bem como para o desenvolvimento de estudos sobre **ancestralidade genômica, inteligência, predisposição genética a doenças, variabilidade populacional, genética evolutiva, seleção natural, seleção sexual** e **longevidade**.

3. Objetivos do Anexo Genético

Este anexo está vinculado à obra **"Genética da Ancestralidade: da Seleção Sexual à Imortalidade"**, a qual integra uma proposta de reflexão crítica, científica e literária sobre

os rumos da biotecnologia, da genética e da medicina personalizada.

A inclusão dos dados brutos genéticos neste documento visa:

- Apresentar um **exemplo real de dataset genômico** de ancestralidade;
- Permitir que pesquisadores, estudantes ou entusiastas possam visualizar e analisar as possibilidades informativas dos dados genéticos humanos;
- Demonstrar, de forma prática, como a ciência pode ser conectada ao cotidiano e à identidade pessoal.
- Uso em conjunto e comparação com banco de dados **SNPs** públicos, e suas **APIs**, para criação de **Softwares**.

4. Conformidade Legal e Técnica

Os dados aqui apresentados não violam a privacidade de terceiros, uma vez que se referem única e exclusivamente ao meu perfil genético individual, sem menção a familiares, terceiros ou descendentes.

As informações foram **baixadas diretamente da plataforma do serviço contratado Genera, CNPJ: 12.841.848/0001-22, Telefone SAC: (11) 5039-9973,** contato@genera.com.br , no formato .csv, contendo as variantes genéticas correspondentes ao meu DNA, e **sem qualquer manipulação, exclusão ou adulteração de conteúdo**.

Caso os dados sejam reutilizados, recomenda-se que:

- O usuário mantenha os **créditos ao autor**, conforme prevê a licença CC BY 4.0;
- Não sejam utilizados para finalidades discriminatórias, comerciais sem consentimento, ou que envolvam riscos éticos, sociais ou legais;
- Sejam respeitados os limites da **privacidade genética** quando cruzados com bancos de dados públicos ou ferramentas de comparação.

5. Licenciamento

Esta obra e os dados genéticos brutos anexos estão licenciados sob a Creative Commons – Atribuição 4.0 Internacional (CC BY 4.0).
Você pode:

- **Compartilhar** – copiar e redistribuir o material em qualquer meio ou formato;
- **Adaptar** – remixar, transformar e criar a partir do material para qualquer fim, inclusive comercial;

Desde que:

- **Atribuição** – você deve dar o devido crédito, fornecer um link para a licença e indicar se mudanças foram feitas. Isso pode ser feito de maneira razoável, mas não de forma que sugira que o licenciante endossa você ou seu uso.

Link da Licença: https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.pt

6. Aplicações Futuras

Os dados brutos de ancestralidade podem ser utilizados em:

- Projetos educacionais sobre **evolução humana** e **diversidade genética**;
- Investigações acadêmicas sobre **inteligência herdada, performance atlética, e metabolismos diferenciados**;
- Estudos sobre **resposta a fármacos (farmacogenética)**;
- Avaliações em reprodução assistida e aconselhamento genético;
- Modelagem matemática em bioinformática e genética populacional;
- Análises de **seleção sexual genética**, conforme os princípios estabelecidos por Darwin e atualizados por autores como Dawkins e Shostak.

Com o avanço de tecnologias como **edição gênica (CRISPR)**, **terapia celular**, **engenharia de tecidos** e **clonagem regenerativa**, compreender e mapear variantes genéticas humanas torna-se base para a medicina do futuro. Nesse sentido, esta obra participa ativamente da construção dessa transição científica.

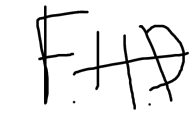
7. Declaração Final de Autoria

Declaro que os dados genéticos brutos apresentados neste documento:

- Foram coletados voluntariamente e com consentimento informado;
- Pertencem exclusivamente à minha pessoa, sendo de minha titularidade;
- Estão sendo compartilhados com fins científicos, didáticos e informativos;
- Foram anexados de boa-fé, em conformidade com as normas da **CBL**, da **LGPD**, da **Creative Commons** e demais legislações nacionais e internacionais pertinentes;
- Estão liberados para uso por terceiros, desde que **com citação da fonte e respeito aos termos da licença**.

Acredito que o compartilhamento consciente e ético da informação genética pode abrir caminhos reais para uma ciência mais democrática, acessível e conectada com os indivíduos.

Fernando Henrique Pedroso
Itu, 2025



Assinatura